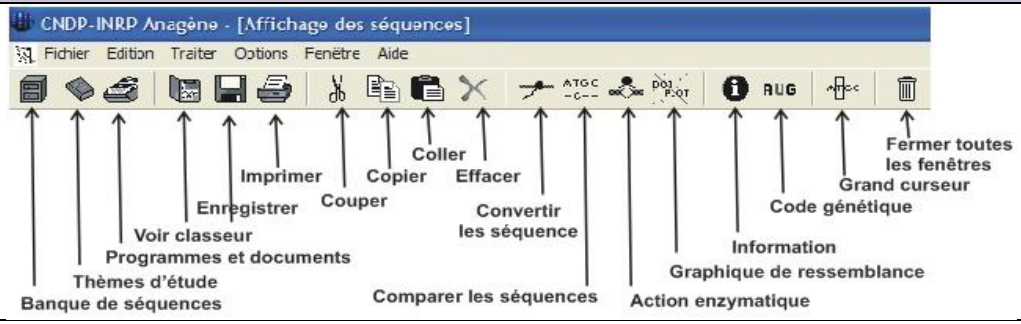
MODE D'EMPLOI	LOGICIEL ANAGENE	LICENCE PAYANTE

Les icônes de la barre d'outils et les bulles d'aide

Les icônes de la barre d'outils



Les bulles d'aide

Pour vous aider, une **bulle d'aide**
s'affiche sur l'objet pointé par le curseur de la souris

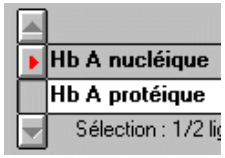
Actions relatives à l'édition des séquences

Éditer une séquence = accéder aux ressources

par **Fichier/ Ouvrir** ou **Sélectionner** cette séquence dans l'un des répertoires d'Anagène :

- ***Banque de séquences***
- ***Thèmes d'étude***
- ***Programmes et documents***

Sélectionner une ou plusieurs séquences



Le bouton de sélection affiche une flèche rouge.
Cliquer sur le bouton de sélection.
La séquence sélectionnée s'inscrit sur fond blanc.
Elle est qualifiée de ligne pointée.

Traiter une séquence

Pour traiter une séquence, elle doit être au préalable sélectionnée.
Utiliser le menu ***traiter***.
On peut **comparer** les séquences ou **convertir** ces séquences.

Parcourir les séquences

Agir sur la barre de défilement horizontal

Changer d'échelle de lecture

pas de 1 : **Nucléotides** /

pas de 3 : **Acides Aminés**

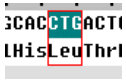
Cliquer sur l'échelle graduée pour basculer de l'échelle (pas de 1) à l'échelle (pas de 3)

Décaler une séquence

ex : décalage de 2 vers la droite

Cliquer sur les boutons de décalage pour créer un décalage positif ou négatif

Mettre en place d'un curseur



Sélectionner la largeur à donner au grand curseur et cliquer sur

Changer la séquence de référence

Sélectionner la séquence à placer en référence et

Cliquer sur pour la remonter en première ligne

© J.Harlé

MODE D'EMPLOI | **LOGICIEL ANAGENE** | **LICENCE PAYANTE**

Actions relatives aux traitements des séquences

Convertir des séquences

Cette fonction peut être appliquée sur les séquences nucléiques et peptidiques et simultanément sur plusieurs séquences si elles sont de même nature.

TYPE DE CONVERSION		Remarques relatives à l'affichage obtenu
Séquence sélectionnée	Séquence convertie	
ADN	ADN	obtention des 2 séquences complémentaires de l'ADN
ADN	ARNm	Transcription
ARNm	ADN	Rétrotranscription
Nucléique (ADN ou ARN)	Peptidique (3 options)	**Option 1 :** Traduction simple **Option 2 :** Positions des phases ouvertes de lecture / affiche dans les 3 cadres de lecture les positions des différents codons >>> position d'un codon d'initiation / === position d'un codon d'élongation / ~~~ position d'un codon stop. **Option 3 :** Traduction des phases ouvertes de lecture / affiche dans les 3 cadres de lecture les différentes séquences peptidiques possibles
Peptidique	Nucléique (ADN ou ARN)	Affiche les différentes séquences possibles compte tenu de la dégénérescence du code génétique.

Comparer des séquences

La comparaison des séquences ne peut se faire que sur au minimum 2 séquences de même nature. La séquence référence sera toujours placée en premier.
La ***comparaison simple*** est utilisée pour comparer deux allèles d'un même gène ou des séquences homologues. (=> lecture détaillée)
1ère = référence / Au niveau des autres séquences = – : symbole des identités **ATTENTION !** Le décalage d'une séquence peut modifier les identités et les différences
La ***comparaison par alignements avec discontinuités*** est utilisée pour comparer. Cette comparaison à privilégier lors de la comparaison des sites de restriction (=> lecture globale)
Sur la ligne supérieure : ✳ : symbole des identités / *espace* : symbole des différences
1ère = référence / Au niveau des autres séquences = – : symbole des identités / _ : symbole des manques / les changements sont affichés en clair

S'informer sur la séquence sélectionnée

Utiliser le ***menu informations / informations sur la ligne pointée*** pour obtenir des informations sur la séquence sélectionnée par rapport à la séquence choisie comme référence.
ATTENTION ! La séquence de référence est toujours placée en premier ! ***Cf. changer la séquence de référence***

Travailler avec les enzymes de restriction

Sélectionner au préalable une ou plusieurs séquences d'ADN
Charger les enzymes de restriction à partir d'un fichier. **Cliquer** sur ajouter puis OK
Choisir le type de représentation. Cliquer sur OK.

Représentation graphique des sites de restriction

- Le **mode tableau** affiche le nombre de sites de restriction pour plusieurs enzymes
- Le **mode graphique** affiche la carte de restriction.
  Les sites de restriction s'affichent en rouge.
  Pour observer le mode de coupure de l'enzyme, **faire glisser** le curseur vert sur le trait rouge matérialisant la localisation du site de restriction.

Afficher le tableau du code génétique = >Tableau de correspondance des codons de l'ARNm avec les acides aminés

Attention ! Les fenêtres ouvertes sont parfois masquées car empilées les unes sur les autres. Utiliser le menu *Fenêtre/Mosaïque*.

© J.Harlé